

Objetivo 3: Garantizar una vida sana y promover el bienestar de todos a todas las edades

Meta 3.3: De aquí a 2030, poner fin a las epidemias del SIDA, la tuberculosis, la malaria y las enfermedades tropicales desatendidas y combatir la hepatitis, las enfermedades transmitidas por el agua y otras enfermedades transmisibles

Indicador 3.3.4: Incidencia de la hepatitis B por cada 100.000 habitantes

Información institucional

Organización:

Organismo responsable de la compilación mundial del indicador o la serie cronológica que se especifican a continuación.

Conceptos y definiciones

Definición:

Este indicador se mide indirectamente a través de la proporción de niños de 5 años que han desarrollado una infección crónica por el VHB (es decir, la proporción que da positivo en un marcador de infección llamado antígeno de superficie de la hepatitis B [HBsAg]). ^[1]

Antígeno de superficie de la hepatitis B: una proteína de la cubierta del virus. Una prueba positiva para HBsAg indica una infección activa por VHB. La respuesta inmunitaria al HBsAg proporciona la base para la inmunidad contra el VHB, y el HBsAg es el componente principal de la Hepatitis B. ^[2]

Conceptos:

¹ Informe mundial sobre hepatitis 2017. Organización Mundial de la Salud. ISBN 978-92-4-156545-5. [↑](#)

² Documentación del impacto de la inmunización contra la hepatitis B: mejores prácticas para realizar una encuesta serológica. Inmunizaciones, Vacunas y Biológicos. Organización Mundial de la Salud. WHO / IVB / 11.08 [↑](#)

Justificación:

El propósito es describir la reducción en infecciones crónicas de la hepatitis b. La mayor parte de la carga de enfermedad de la infección por el VHB proviene de infecciones adquiridas antes de los 5 años de edad. Por lo tanto, la prevención de la infección por el VHB se centra en los niños menores de 5 años de edad. Las Naciones Unidas seleccionaron la incidencia acumulada de la infección crónica por el VHB a los 5 años de edad como indicador de la meta de los Objetivos de Desarrollo Sostenible para “combatir la hepatitis”. Este indicador se mide indirectamente a través de la proporción de niños de 5 años de edad que han desarrollado infección crónica por el VHB (es decir, la proporción que da positivo para un marcador de infección llamado antígeno de superficie de la hepatitis B [HBsAg]).

Comentarios y limitaciones:

La principal limitación del análisis es que, a pesar de la búsqueda y el acceso exhaustivo y profundo a la literatura, hay menos datos sobre los estudios posteriores a la vacunación que sobre los estudios previos a la vacunación. El modelo se basa en gran medida en estudios previos a la vacunación en adultos.

La calidad de los estudios y los datos se evaluó examinando la representatividad del muestreo. El factor de sesgo es una variable dicotómica.

Entre los posibles sesgos importantes se incluyen la representación geográfica de los puntos de datos. Además, los estudios provinieron de muchas fuentes diferentes, como donantes de sangre y mujeres embarazadas. El primero posiblemente tenga una menor proporción de prevalencia de hepatitis B que la población general, ya que los cuestionarios de los donantes a menudo excluyen a las personas con factores de riesgo de enfermedades transmitidas por la sangre y las mujeres embarazadas posiblemente tengan una prevalencia más alta como en los estudios para ver el efecto de una dosis de vacuna al nacer para prevenir la transmisión vertical. Como la proporción de estudios y el tamaño de los estudios que fueron de donantes de sangre fue significativamente mayor que los de mujeres embarazadas, podemos suponer que nuestras estimaciones de la prevalencia de la vacunación previa pueden ser bajas.

Metodología

Método de cálculo:

Los datos se modelaron mediante una regresión logística bayesiana que tiene en cuenta la proporción de individuos que dieron positivo al HBsAg en cada estudio, ponderando cada estudio por su tamaño y utilizando un modelo autorregresivo condicional (CAR) que tiene en cuenta las correlaciones espaciales y económicas entre países similares. Este modelo utiliza los datos de los países bien muestreados para estimar la prevalencia en los países con menos datos, con efectos como el sexo, la edad y el estado de vacunación, que también se basan en la proximidad geográfica y del PIB de los países a otros países (modelo CAR). Bajo el supuesto de que los países que están cerca económica y/o geográficamente tendrán una prevalencia más similar debido a una estructura social y capacidades de atención sanitaria similares.

La variable de respuesta en el modelo fue la prevalencia del antígeno de superficie de la hepatitis (HBsAg) con las variables explicativas de la edad (tres categorías, menores de 5 años, jóvenes (5-15) y adultos (16+), divididas utilizando la edad media de los participantes en el estudio), el sexo (proporción de mujeres en el estudio), el sesgo del estudio (por ejemplo, una alta fracción de participantes en el estudio procedentes de poblaciones indígenas), la cobertura de la vacuna de 3 dosis, la dosis de nacimiento de la vacuna y el país del estudio. La cobertura de la vacunación sistemática de 3 dosis y de la dosis al nacer en cada estudio se calculó cruzando el año y la edad de los participantes en cada estudio con las estimaciones de cobertura de la vacuna correspondientes de la OMS-UNICEF para ese país. Las estimaciones de la OMS-UNICEF son datos anuales para el país en su conjunto, y no contenían información sobre la eficacia de la vacuna, que no se utilizó en el análisis, ya que no se obtuvieron datos al respecto. La eficacia de la vacuna se estimaría implícitamente en el análisis, ya que vemos que la vacunación tiene un efecto variable en el tiempo y en el espacio en todos los estudios. La cobertura de la vacunación sistemática de 3 dosis y de la vacunación al nacer en cada estudio se calculó cruzando el año y la edad de los participantes en cada estudio con las correspondientes estimaciones de cobertura vacunal de la OMS-UNICEF para ese país. La cobertura de la vacunación sistemática de 3 dosis y de la vacunación al nacer en cada estudio se calculó cruzando el año y la edad de los participantes en cada estudio con las estimaciones correspondientes de cobertura de vacunas de la OMS-UNICEF para ese país. Más explícitamente, el modelo utiliza las edades y el momento del estudio para calcular los años en los que nacieron los participantes, de modo que si en un estudio realizado en 2015 había un grupo de edad de 10 a 15 años, los años de nacimiento serían de 2000 a 2005, entonces promediamos la cobertura de vacunación a partir de las estimaciones de la OMS-UNICEF a lo largo de esos 5 años asumiendo que cada edad estaba representada uniformemente en ese grupo de edad en el estudio. El mismo proceso se utilizó para la vacunación de 3 dosis y de la dosis de nacimiento.

La ecuación del modelo logístico general se describe a continuación,

$$Y_i \sim \text{Binomial}(\pi_i, N_i), \quad \log \frac{\pi_i}{1 - \pi_i} = \beta_0 + \sum_{j=1}^p \beta_j x_{ij} + u_i$$

Donde β_j son los efectos fijos de las variables explicativas x_{ij} . Con los efectos aleatorios espaciales descritos por

$$u_i \sim N(\bar{u}_i, \sigma_u^2/n_i)$$

Donde,

$$\bar{u}_i = \sum_{j \in \text{neigh}(i)} w_j u_j / n_i$$

Donde n_i es el número de vecinos del país i y los pesos w_j , son 1.

El modelo se simuló en el paquete estadístico bayesiano WinBUGS, y la manipulación de los datos y la inicialización del modelo se ejecutaron desde R (3.3.1) utilizando R2WinBUGS. El modelo considera los parámetros de edad, sexo, sesgo del estudio (por ejemplo, una alta fracción de participantes en el estudio procedentes de poblaciones indígenas), cobertura de la vacuna, dosis de nacimiento de la vacuna y país del estudio.

El modelo utiliza la función CAR-normal, en WinBUGS, para modelar la autocorrelación espacial y económica relacionada con los países vecinos. Para cada país que tenía datos de prevalencia, se calculó una posición central ponderada utilizando el tamaño y la ubicación de cada estudio. Para los países sin datos, se utilizó el centroide de la población. En un enfoque novedoso, consideramos 3 dimensiones en la matriz de adyacencia del país; utilizamos las dimensiones geográficas habituales, la latitud y la longitud, y también las combinamos con el logaritmo natural del PIB per cápita del país. De este modo, se midió no sólo la proximidad geográfica, sino también la proximidad de desarrollo de los países. La matriz de adyacencia para la distancia geoeconómica da una puntuación entre cada país y todos los demás. Los países cercanos geográfica y económicamente tendrían una puntuación baja y los más alejados geográfica o económicamente tendrían una puntuación/distancia alta. Por lo tanto, aquellos países más parecidos tendrán una puntuación baja y aquellos países parecidos tendrán una puntuación alta.

A continuación, se exploró la forma en que proporcionamos la distancia geográfica y económica para producir la matriz de adyacencia, esto se debe a que la distancia geográfica puede ser más o menos importante que las similitudes económicas. Así, creando varias matrices de adyacencia diferentes (no definitivas) pudimos seleccionar la matriz más adecuada que explicara mejor la realidad. Normalizamos la distancia geográfica y la del PIB y luego calculamos la distancia entre estas dos cifras normalizadas. Esto crea una superficie gaussiana suavizada que depende tanto de la proximidad espacial como de la proximidad del PIB per cápita. Comparamos relaciones de, 1:0, 1:1, 2:1, 1:2 (Geográfica:PIB).

Para cada matriz de adyacencia diferente, también tuvimos que seleccionar una distancia de vecindad, es decir, a qué distancia puede un país ser afectado por otro. Así, también variamos el radio de distancia a partir del cual seleccionar los vecinos para la red de vecindad, utilizamos la distancia mínima máxima, el doble de la mínima máxima y el triple de la mínima máxima, variando así el número de vecinos que tendría cada país.

Por último, para decidir la magnitud del efecto que un país tiene sobre otro en la red de vecindad, variamos los pesos de los pares de países en la matriz de adyacencia, utilizando una ponderación neutra de 1, de modo que cada vecino tiene un efecto igual sobre los demás (no depende de la distancia en la red), o pesos decrecientes sobre la distancia con $1/\text{distancia}$, y $1/\text{distancia}^2$, donde cuanto más cerca está el país mayor es el efecto que tiene sobre otro país. El resultado de estas 36 combinaciones diferentes llevó a encontrar el mínimo CID (Criterio de Información de Desviación) para una relación de 1:2 (Geográfica:PIB), siendo la distancia mínima de las redes de vecindad el doble de la distancia mínima máxima y una ponderación uniforme de $1/\text{distancia}$ para cada país adyacente.

Esta estructura del modelo produce estimaciones para todos los efectos fijos y también el riesgo individual a nivel de país, esto proporciona información sobre cuáles tienen un riesgo significativamente mayor o menor al riesgo medio.

Todos los parámetros fueron dados a priori no informativos. Las simulaciones se ejecutaron con 3 cadenas MCMC con 50.000 iteraciones y cada parámetro se estimó a partir de 1.000 muestras tomadas de 250.000 iteraciones diluidas para producir la distribución posterior. Se alcanzó la convergencia, con valores \hat{r} todos ellos muy cercanos a 1,000. Gracias al marco bayesiano y al software WinBUGS, fue posible obtener estimaciones para los países de los que no teníamos datos sobre la prevalencia, utilizando su PIB y su proximidad geográfica para informar de esta estimación. Los países con el mayor número de estudios proporcionaron las estimaciones con los intervalos de confianza más ajustados y los que tenían pocos o ningún dato estaban menos definidos, produciendo a menudo una distribución posterior logarítmica normal, dando estimaciones con colas largas.

Se inspeccionaron las distribuciones posteriores de los parámetros para comprobar la convergencia y la covarianza entre los parámetros. Cuando fue necesario, los parámetros fueron centrados y escalados a $N(0, 1)$ para ayudar a la convergencia de los parámetros y eliminar la covarianza. Esto se hizo en el caso del parámetro de sexo, que se introdujo como la proporción de la muestra que era femenina; se observó que éste variaba conjuntamente con los parámetros de intercepción y sesgo antes de volver a centrar y escalar. Sin embargo, la covarianza de la vacunación sistemática y la dosis al nacer persistió incluso después del recentrado. Esto es en parte poco sorprendente, ya que hay algunos casos en los que la dosis al nacimiento se administra sin la vacunación de rutina. Aquí intentamos reducir esta interacción de los términos transformando los datos de la dosis al nacimiento. Modelamos la dosis de nacimiento utilizando sólo los datos en los que la dosis de nacimiento era superior al 60, 70, 80 & 90% respectivamente, también modelamos la dosis de nacimiento al cuadrado, aumentando así el efecto de las dosis de nacimiento altas sobre las dosis más pequeñas. La selección del modelo dependía de cuál de ellos reducía la covarianza entre los parámetros y devolvía la puntuación CID más baja.

La validación del modelo se llevó a cabo utilizando el 90% de los datos seleccionados al azar frente al 10% restante, y comparando las estimaciones de prevalencia del modelo con los datos observados (Figura 3). La figura 4 muestra la prevalencia media en cada país de todos los estudios comparada con la estimación del modelo. La figura 5 muestra las distribuciones marginales y conjuntas posteriores de los parámetros ajustados. La Tabla 1 muestra los valores de los parámetros estimados con los intervalos de confianza asociados.

Durante el ejercicio de validación (en el que se consultó a los países sobre sus estimaciones) se señaló que China había llevado a cabo tres encuestas serológicas a gran escala basadas en la población para establecer la prevalencia de referencia y el progreso hacia la eliminación del VHB. Había un gran número de otras encuestas de China, que son menos representativas que estas tres encuestas nacionales. Realizamos un análisis de sensibilidad restringiendo los datos de China a las tres encuestas representativas a nivel nacional. El efecto de este cambio en los datos de entrada fue que el efecto de la vacunación era más claro, pero los efectos estimados por edad (cambio en la prevalencia en los niños menores de 5 años, o en los jóvenes (niños de 5 a 15 años)) ya no eran significativamente diferentes de cero (véase la Tabla 2 y la Figura 6). La desviación se redujo significativamente, lo que sugiere un modelo mucho mejor ajustado (Tabla 2), aunque en un conjunto de datos algo reducido.

Tratamiento de valores faltantes:

- *A nivel de país:*

Todos los valores representan las mejores estimaciones para el indicador del antígeno de superficie de la hepatitis B y tienen como objetivo facilitar la comparabilidad entre países y a lo largo del tiempo. Las estimaciones no siempre son las mismas que las estimaciones nacionales oficiales, debido al uso de diferentes metodologías y fuentes de datos. Se proporcionan estimaciones para 194 Estados Miembros de la OMS. El análisis se realizó para los grupos de edad de 0 a 5 años y para la población general. Debido a la escasez de datos de algunos países, las estimaciones son más sólidas a nivel mundial y regional que a nivel nacional, por lo que sugerimos que los países se centren en los intervalos creíbles del 95% y no solo en las estimaciones puntuales notificadas.

Se realizó una revisión exhaustiva y sólida de la literatura para encontrar estudios en los 194 Estados Miembros de la OMS y en todos los grupos de edad y estado de vacunación. Actualizamos la revisión sistemática de Schweitzer et al, 2015 que incluyó una búsqueda sistemática de artículos publicados entre el 1 de enero de

1965 y el 23 de octubre de 2013. Actualizamos la búsqueda sistemática para incluir artículos publicados entre el 23 de octubre de 2013 y el 30 de octubre de 2018 en las bases de datos Embase, PubMed, Global Index Medicus, Popline y Web of Science.

Para cada país que tenía datos de prevalencia, se calculó una posición central ponderada utilizando el tamaño y la ubicación de cada estudio. Para aquellos países sin datos, usamos el centroide poblacional. Véase la explicación detallada más arriba.

- ***A nivel regional y mundial:***

Igual que el anterior.

Agregados regionales:

Fuentes de discrepancias:

Las estimaciones no siempre son las mismas que las estimaciones nacionales oficiales, debido al uso de diferentes metodologías y fuentes de datos. Los criterios de selección de los estudios fueron similares a los de (Schweitzer, et al., 2015). Se consideraron para su inclusión en esta revisión sistemática los estudios observacionales sobre la seroprevalencia crónica de la infección por el VHB (prevalencia de HBsAg), realizados en la población general o entre donantes de sangre, trabajadores de la salud y mujeres embarazadas. Los estudios se excluyeron si eran revisiones sistemáticas o metanálisis, informes de vigilancia, estudios de casos, cartas o correspondencia, o si no contenían datos de seroprevalencia de HBsAg. Los estudios también se excluyeron si informaron exclusivamente estimaciones de prevalencia para grupos de población de alto riesgo (por ejemplo, migrantes y refugiados). Las estimaciones de los países pueden provenir de serosurveys seleccionados.

Métodos y directrices a disposición de los países para la recopilación de datos a nivel nacional:

No aplicable. Las estimaciones provienen del modelo matemático.

Recopilar una lista de verificación de la Declaración Gather de la información que debería incluirse en los nuevos informes de estimaciones de salud mundial. La Declaración Gather promueve las mejores prácticas en la presentación de informes de estimaciones de salud. Se utiliza una variedad de indicadores de salud para monitorear la salud de la población y orientar la asignación de recursos en todo el mundo. Pero la falta de datos para algunas regiones y los diferentes métodos de medición presentan desafíos que a menudo se abordan mediante el uso de técnicas de modelado estadístico para generar estimaciones coherentes basadas en fuentes de datos a menudo dispares. <http://gather-statement.org/>.

Garantía de calidad:

- Las estimaciones de la OMS utilizan una metodología revisada por el Comité Asesor de Investigación sobre la Implementación relacionada con la Inmunización y las Vacunas (IVIR-AC, por su sigla en inglés) y presentada al Grupo Asesor Estratégico de Expertos (SAGE, por su sigla en inglés). Estas estimaciones se han documentado siguiendo las Directrices para la presentación de informes de estimaciones de salud precisas y transparentes (GATHER, por su sigla en inglés).
- La OMS brindó a los Estados Miembros la oportunidad de examinar y formular observaciones sobre datos y estimaciones como parte del denominado proceso de consulta con los países.

Fuentes de datos

Descripción:

Una búsqueda sistemática en artículos publicados entre el 1 de enero de 1965 y el 30 de octubre de 2018 en las bases de datos Embase, PubMed, Global Index Medicus, Popline y Web of Science.

Después de la revisión del texto completo, se extrajeron los datos de cada estudio utilizando las siguientes variables: características del estudio (fechas de recolección de estudios y muestras, ubicaciones del estudio, es decir, ciudad, subnacional [un área, región, estado o provincia en un país] o nivel nacional), características de los participantes (rango de edad, sexo, año y grupo de población) y prevalencia del marcador del VHB, tipo de pruebas de laboratorio y número de participantes en los que se basó la prevalencia del marcador del VHB.

Los datos de los artículos elegibles fueron introducidos en un banco de datos de Microsoft EXCEL® y/o Distiller por dos revisores de forma independiente. Se extrajo información para el nombre del autor, el año, la edad, el sexo, el marcador, la prueba de laboratorio utilizada, el número de individuos analizados, la prevalencia de cada marcador cuando se informó, el grupo de población (población general, trabajadores de la salud o donantes de sangre) y si los datos reportados fueron para una ciudad, subnacional (un área, región, estado o provincia en un país) o nivel nacional, PIB per cápita. Además de HBsAg, HBeAg fue registrado, como disponible para los individuos cuando HBsAg también fue divulgado. Para registrar la información sobre la calidad metodológica y el sesgo del estudio resultante de la no representatividad, se utilizó una variable adicional: las muestras que probablemente fueran representativas para el país/área especificada se codificaron como 0 y otras, por ejemplo, a las muestras de conveniencia en ciertas comunidades o tribus del país se les asignó un 1, complementado con información adicional. La información sobre el riesgo de sesgo/no representatividad se aplicó si la población no era ni HCW ni donante de sangre (ver descripción a continuación). ^[3]A continuación, las variables extraídas de los estudios y suposiciones realizadas se describen en detalle:

1. Autor, Fecha

2. Año de inicio/fin de la realización del estudio: Se extrajo el año de inicio y fin del estudio. Si esta información no estaba disponible en los estudios, se utilizó la suposición comúnmente utilizada de que el estudio se realizó dos años antes del año de publicación (por ejemplo, autor, 2000, año de realización del estudio: 1998).

3. Sexo: Se extrajeron valores específicos del sexo. Si sólo se proporcionó una estimación general (toda), la proporción de mujeres en el estudio se especificó en la columna información adicional.

4. Inicio/fin de la edad: Se extrajo el grupo de edad más específico proporcionado por los datos. Si el grupo de edad en el que se basó el valor del parámetro no estaba disponible, se hicieron suposiciones basadas en el contexto del estudio. Por lo tanto, se aplicó lo siguiente en caso de falta de información sobre los grupos de edad en la población de estudio:

a. Si el estudio se realizó en la población general sin más especificaciones y si sólo se proporciona una estimación de prevalencia, se consideró que el grupo de edad era de 0 a 85 años. Posteriormente, si falta el grupo de edad inicial y último, el valor más bajo del grupo de edad más joven es 1 año, el valor superior de los grupos de edad más viejos es 85 años.

b. Si el estudio se realizó entre poblaciones adultas pero no se proporciona ningún rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 17 a 65 años.

c. Si el estudio se llevó a cabo entre alumnos pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 5 a 15 años.

d. Si el estudio se realizó entre mujeres embarazadas pero no se proporciona ningún rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 15 a 49 años (edad reproductiva).

e. Si el estudio se realizó entre donantes de sangre pero no se proporciona ningún rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 17 a 65 años.

f. Si el estudio se llevó a cabo entre reclutas o soldados del ejército pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 18 a 45 años.

g. Si el estudio se realizó entre la población activa pero no se proporciona un rango de edad, se considera que el grupo de edad es de 16 a 65 años.

- h. Prevalencia de HBsAg: Se extrajo la estimación de prevalencia más específica proporcionada por los datos (definida por la prevalencia de edad/sexo/año). Se utilizaron líneas separadas para cada marcador en el archivo de extracción de datos (por ejemplo, una para HBeAg y una línea para HBsAg, incluso si el grupo de estudio/publicación era el mismo)
5. Prevalencia de HBeAg (marcador opcional): Se extrajo la estimación de prevalencia más específica (definida por la prevalencia de edad/ sexo / año) de HBeAg entre los individuos HBsAg positivos y, si corresponde, se calculó para reflejar la prevalencia entre los portadores de HBsAg.
6. Prevalencia anti-HBc (marcador opcional): Se extrajo la estimación de prevalencia más específica proporcionada por los datos (definida por la prevalencia de edad/sexo/año).
7. Método de laboratorio: Las pruebas de los marcadores de la respuesta inmunitaria de la infección por el VHB comenzaron en la década de 1970 mediante la técnica de contrainmunolectroforesis (CIEP). Desde entonces, se han desarrollado diferentes métodos de detección (RIA, EIA, ...). El método más aplicado en los estudios de prevalencia es el ELISA (enzyme-linked immunosorbent assay). Se establecieron cinco categorías para registrar el método/prueba utilizado para la detección de la prevalencia en los estudios: ELI nuevo (ELISA -2, -3, EIA, ...), EIA antiguo (CMIA, CIEP, RPHA), NAT (qPCR/ PCR en tiempo real, PCR anidada, PCR múltiplex), otros (por ejemplo, RIA); Desconocido/no especificado.
8. País: Los nombres de los países se registraron según www.who.int y, con fines de análisis adicionales, se agruparon según las seis regiones de la OMS: la Región de África, la Región de las Américas, la Región del Mediterráneo Oriental, la Región de Europa, la Región del Sudeste Asiático y la Región del Pacífico Occidental.
9. Tamaño de la muestra de individuos a los que se les extrajo la sangre; de los individuos implicados en los análisis/bases para la estimación de los parámetros: Como indicador de calidad del estudio, distinguimos el tamaño efectivo de la muestra, es decir, el número de individuos implicados en el análisis/en el que se basa la estimación del parámetro, del número de individuos de los que se extrajo sangre (columna aparte) y del tamaño de la muestra inicialmente calculado/planificado (columna aparte).
10. Población: Aunque la atención se centró en la población general, se incluyeron y especificaron dos grupos adicionales. Estos incluyen: HCW y donante de sangre (además de subgrupos no especificados, remunerados, no remunerados/voluntarios). Si en esta columna “población” se especificó como PS o donante de sangre y no como población general, la columna de riesgo de sesgo (siguiente) queda vacía.
11. Nivel: Se proporciona información si el estudio se realizó a nivel nacional, subnacional, de ciudad o si no se especificó más el nivel (cuatro categorías).
12. Ubicación del estudio: Esta variable de texto libre especifica la ciudad/área dentro del país donde se realizó el estudio incluido. Las variables/columnas Nivel y Ubicación del estudio se incluyeron adicionalmente tras la Reunión de la OMS sobre el impacto de la vacunación contra la hepatitis B en la OMS, Ginebra, en marzo de 2014.

Datos adicionales de otras fuentes distintas de los estudios elegibles:

1. Año de introducción de la vacuna en todo el país: los datos proceden de los informes oficiales de los Estados miembros de la OMS y, a menos que se indique lo contrario, los datos se notifican anualmente a través del [proceso de notificación conjunta OMS/UNICEF](http://www.who.int/entity/immunization/monitoring_surveillance/data/year_vaccine_introduction.xls?ua=1).
http://www.who.int/entity/immunization/monitoring_surveillance/data/year_vaccine_introduction.xls?ua=1
2. Período en el que se realizó el estudio: pre vacunación o post vacunación. Se determina según el año de introducción en todo el país.
3. Serie de estimaciones de cobertura: los datos se obtienen de WUENIC:http://apps.who.int/immunization_monitoring/globalsummary/timeseries/tswucoveragebcg.html
4. El PIB per cápita se ha utilizado a partir de los datos de la ONU que recopilan la información del Banco Mundial Fuente <http://data.un.org/Data.aspx?g=GDP&d=SNAAMA&f=grID%3a101%3bcurrID%3aUSD%3bpcFlag%3a1>
5. Datos de longitud y latitud (fuente: www.google.com).
6. Los datos de estructura y tamaño de la población de cada país proceden de la división de población de la ONU: <http://www.un.org/en/development/desa/population/>

³ Se consultó la Escala de Newcastle Ottawa para la evaluación de la calidad de los estudios no aleatorios en los metaanálisis (http://www.ohri.ca/programs/clinical_epidemiology/oxford.asp) y se consultaron las directrices de notificación de Strobe para estudios observacionales con el fin de evaluar la exhaustividad de la notificación de los estudios. [↑](#)

Proceso de recolección:

La OMS ofrece a los Estados Miembros la oportunidad de examinar los datos y formular observaciones al respecto como parte del denominado proceso de consulta con los países. Los Estados miembros reciben un anexo con sus estimaciones específicas por país, los serosurveys utilizados para informar el modelo matemático y el resumen de la metodología. Se les proporciona tiempo suficiente para proporcionar cualquier estudio adicional que se examine de acuerdo con los criterios de inclusión e inclusión.

Disponibilidad de los datos

Descripción:

Se dispone de estimaciones para 194 Estados Miembros y para las seis Regiones de la OMS, así como a nivel mundial.

Serie temporal:

Las estimaciones están disponibles para la era prevacuna, mientras que las estimaciones de 2015 y 2017 están en proceso de revisión.

Desagregación:

Grupos de edad (es decir, menores de cinco años y población en general); sexo/género si es posible. Aunque los datos de estos últimos son escasos. Además, datos a nivel nacional, regional y mundial.

Calendario

Recopilación de datos:

La revisión sistemática de las encuestas serológicas publicadas y las estimaciones de modelos se actualizan anualmente, durante un periodo planificado para el último trimestre de 2019.

Publicación de datos:

Segundo trimestre de cada año.

Proveedores de datos

Organización Mundial de la Salud.

Compiladores de datos

Organización Mundial de la Salud.

Referencias

Los serosurveys están disponibles para cada estado miembro y la referencia proporcionada para cada punto de datos.

URL:

<http://whohbsagdashboard.com/#global> .

Referencias:

Indicadores relacionados
